

GCTCTCCCTGCTCCAGCAAGGACCATGAGGGCGCTGGAGGGGCCAGGCCCTGTGCTGCTG
M R A L E G P G L S L L

TGCCGTGGTGTGGCGCTGCTGCCCTGCTGCCGGTGCCGGCTGTACGGGAGTGGCAGAA
C L V L A L P A L L P V P A V R G V A E

ACACCCACCTACCCCTGGCGGGACGCAGAGACAGGGGAGCGGCTGGTGTGCGCCAGTGC
 T P T Y P W R D A E T G E R L V C A Q C

CCCCCAGGCACCTTTGTGCAGCGGCCGTGCCGCCGAGACAGCCCACGACGTGTGGCCCG
 P P G T F V Q R P C R R D S P T T C G P

TGTCCACCGCGCCACTACACGCACTTCTGGAACCTACCTGGAGCGCTGCCGCTACTGCAAC
 C P P R H Y T Q F W N Y L E R C R Y C N

GTCTCTGCGGGAGCGTGAGGAGGAGGCACGGGCTGCCACGCCACCACAAACGTGCC
 V L C G E R E E E A R A C H A T H N R A

TGCCGTGCCGACCGGCTTCTTCGCGCACGCTGGTTCTGCTTGGAGCACGATCGTGT
 C R C R T G F F A H A G F C L E H A S C

CCACCTGGTGCGCGGTGATTGCCCGGGCACCCACGCCAGAACACGCACTGCCAGCCG
 P P G A G V I A P G T P S Q N T Q C Q P

TGCCCCCAGGCACCTTCTCAGCCAGCAGCTCCAGCTCAGAGCAGTGCCAGCCCCACCGC
 C P P G T F S A S S S S S E Q C Q P H R

AACTGCACGGCCCTGGGCTTGCCCTCAATGTGCCAGGCTCTTCTCCCATGACACCTG
 N C T A L G L A L N V P G S S S H D T L

TGCACCACTGCACTGGCTTCCCCCTCAGCACAGGGTACCAGGAGCTGAGGAGTGTGAG
 C T S C T G F P L S T R V P G A E E C E

CGTGCCGTCATCGACTTTGTGGCTTTCAGGACATCTCCATCAAGAGGCTGCAGCGCTG
 R A V I D F V A F Q D I S I K R L Q R L

CTGCAGGCCCTCGAGGCCCGGAGGGCTGGGGCTCCGACACCAAGGGCGGGCGCGCGGCC
 L Q A L E A P E G W G P T P R A G R A A

TTGCAGCTGAAGCTGCGTCGGCGGCTCACGGAGCTCCTGGGGGCGCAGGACGGGGCGCTG
 L Q L K L R R R L T E L L G A Q D G A L

CTGGTGCBBCTGCTGCAGGCGCTGCGGTGGCCAGGATGCCGGGCTGGAGCGGAGCGTC
 L V R L L Q A L R V A R M P G L E R S V

CGTGAGCGCTTCTCCCTGTGCACTGATCTGGCCCCCTCTATTATTCTACATCCTTG
 R E R F L P V H *

GCACCCCACTGTGACTGAAAGAGGCTTTTTTTTAAATAGAAGAAATGAGGTTTCTTAAAG

CTTATTTTTATAAGCTTTTTTCATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIG. 1

0935727.002401

2/23

TGGCATGTGGTCAGGCACAGAGGGTCCTGTGTCCGCGCTGAGCCGCGCTCTCCCTGCT
CCAGCAAGGACCATGAGGGCGCTGGAGGGGCCAGGCCTGTGCTGTGTGCCTGGTGTG
M R A L E G P G L S L L C L V L
GCGCTGCCTGCCCTGCTGCCGGTGCCGGCTGTACGCGAGTGCGAGAAACACCCACCTAC
A L P A L L P V P A V R G V A E T P T Y
CCCTGGCGGGACGCAGAGACAGGGGAGCGGCTGGTGTGCGCCAGTGCCCCCAGGCC
P W R D A E T G E R L V C A Q C P P G T
TTTGTGCAGCGGCGTGCCGCCGAGACAGCCCCACGACGTGTGGCCCGTGTCCACCGCGC
F V Q R P C R R D S P T T C G P C P P R
CACTACACGAGTTCTGGAACACCTGGAGCGCTGCCGCTACTGCAACGTCTCTGCGGG
H Y T Q F W N Y L E R C R Y C N V L C G
GAGCGTGAGGAGGAGGCACGGGCTTGCCACGCCACCCACAACCGTGCCTGCCGTGCCGC
E R E E E A R A C H A T H N R A C R C R
ACCGGCTTCTTCGCGACGCTGGTTTCTGCTTGGAGCACGCATCGTGTCCACCTGGTGCC
T G F F A H A G F C L E H A S C P P G A
GGCGTGATTGCCCCGGGTGAGAGCTGGGCGAGGGGAGGGGCCCCAGGAGTGGTGGCCGG
G V I A P G E S W A R G G A P R S G G R
AGGTGTGGCAGGGGTCAGGTTGCTGGTCCCAGCCTTGACCCCTGAGCTAGGACACCACTT
R C G R G Q V A G P S L A P *
CCCCTGACCCTGTTCTTCCCTCCTGGCTGCAGGCACCCCCAGCCAGAACACGCAGTGCCA
GCCGTGCCCCCCAGGCACCTTCTCAGCCAGCAGCTCCAGCTCAGAGCAGTGCCAGCCCCA
CCGCAACTGCACGGCCCTGGGCTGGCCCTCAATGTGCCAGGCTCTTCTCCCATGACAC
CCTGTGCACCACTGCCTGGCTTCCCCTCAGCACCAGGGTACCAGGTGAGCCAGAGGC
CTGAGGGGGCAGCACACTGCAGGCCAGGCCACTTGTGCCCTCACTCCTGCCCTGCACG
TGCATCTAGCCTGAGGCATGCCAGCTGGCTCTGGGAAGGGGCCACAGTGGATTGAGGGG
TCAGGGGTCCTCCACTAGATCCCCACCAAGTCTGCCCTCTCAGGGGTGGCTGAGAATTT
GGATCTGAGCCAGGGCACAGCCTCCCCTGGAGAGCTCTGGGAAAGTGGGCAGCAATCTCC

FIG.2A

05935727.00401

TAAGTACCCGAGGGGAAGGTGGCTGGCTCCTCTGACACGGGGAAACCGAGGCCTGATGCT
AACTCTCCTAACTGCCTGAGAGGAAGGTGGCTGCCTCCTCTGACATGGGGAAACCGAGGC
CCAATGTTAACCACTGTTGAGAAGTCACAGGGGAAGTGACCCCTTAACATCAAGTCAG
GTCCGGTCCATCTGCAGGTCCCAACTCGCCCTTCCGATGGCCAGGAGCCCAAGCCCT
TGCTGGGCCCCCTTGCTCTTGCAGCCAAGGTCCGAGTGGCCGCTCCTGCCCCCTAGGC
CTTTGCTCCAGCTCTCTGACCGAAGGCTCCTGCCCTTCTCCAGTCCCATCGTTGCACT
GCCCTCTCCAGCACGGCTCACTGCACAGGGATTTCTCTCCTGCAAAACCCCCGAGTGG
GGCCCAGAAAGCAGGGTACCTGGCAGCCCCCGCCAGTGTGTGGGTGAAATGATCGGAC
CGCTGCCTCCCCACCCCACTGCAGGAGCTGAGGAGTGTGAGCGTGCCGTATCGACTTTG
TGGCTTTCCAGGACATCTCCATCAAGAGGAGCGGCTGCTGCAGGCCC

FIG.2B

1	M	-	G	L	S	T	V	P	D	L	L	P	L	V	L	E	L	V	G	I	Y	P	S	G	V	I	G	L	V	P	H	L	G	D	R	E	-	TNFR1				
1	M	A	P	V	A	V	A	A	L	A	V	G	L	E	L	W	A	A	H	A	L	P	A	Q	V	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR2				
1	M	G	A	G	A	T	G	R	A	M	D	-	-	-	G	P	R	L	L	L	L	L	L	G	V	S	L	G	G	A	K	E	-	A	C	P	-	NGFR				
1	M	-	R	L	P	R	-	A	S	S	P	C	G	L	A	W	G	P	L	L	L	L	L	L	G	L	S	G	L	L	V	A	S	Q	P	Q	L	V	P	P	-	LT6R
1	M	L	G	I	W	T	-	-	-	-	L	L	P	L	V	L	I	T	S	V	-	A	R	L	S	S	K	S	V	N	A	Q	V	T	D	I	N	S	K	G	L	FAS
1	M	-	-	-	-	A	R	P	H	P	-	-	-	-	W	L	C	V	L	G	T	L	V	G	L	S	-	A	T	P	A	P	K	S	C	P	-	CD27				
1	M	R	V	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L	A	A	L	G	L	L	F	L	G	A	L	R	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD30			
1	M	V	R	L	P	L	-	Q	-	-	C	V	L	-	W	G	C	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	V	H	P	E	-	-	-	-	-	CD40			
1	M	G	N	-	-	-	-	-	-	-	S	C	Y	N	I	V	A	T	L	L	V	L	N	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB		
1	M	C	V	G	A	-	-	R	R	L	G	-	-	-	R	G	P	C	A	A	L	L	L	G	L	G	L	S	T	V	T	G	L	H	C	V	-	-	OX40			
1	M	K	S	V	-	L	Y	I	-	-	-	-	-	-	L	F	L	S	C	I	I	T	I	N	G	R	D	A	A	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	VC22		
1	M	K	S	-	-	-	Y	I	L	-	-	-	-	-	L	L	L	S	C	I	I	I	N	S	D	I	T	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CRMB		
1	M	R	A	L	E	-	-	-	-	-	-	G	P	G	L	S	L	L	C	L	V	L	A	L	P	A	L	L	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6a		
1	M	R	A	L	E	-	-	-	-	-	-	G	P	G	L	S	L	L	C	L	V	L	A	L	P	A	L	L	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b		

FIG.3A

T04280*22255660

39	-	K	R	D	S	V	C	P	Q	G	K	Y	I	H	-	-	P	Q	N	S	I	C	C	I	K	C	H	K	G	T	Y	L	Y	N	D	C	P	G	TNFR1			
32	-	Y	-	A	P	E	P	G	S	T	C	R	L	R	E	Y	Y	D	Q	T	A	Q	M	C	S	K	C	S	P	Q	H	A	K	V	F	C	-	-	TNFR2			
34	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	L	T	H	S	G	E	-	C	C	K	A	C	N	L	G	E	G	V	A	Q	P	C	G	A	NGFR
36	-	Y	R	I	E	N	Q	T	C	W	D	Q	D	K	E	Y	E	P	M	H	D	V	C	S	R	C	P	P	G	E	F	V	F	A	V	C	-	-	LT6R			
36	E	L	R	K	T	V	T	T	I	V	E	T	Q	N	L	E	G	L	H	D	G	Q	F	C	H	K	P	C	P	P	G	E	R	K	A	R	D	C	T	V	FAS	
29	-	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	H	Y	W	A	Q	G	K	L	C	C	Q	M	C	E	P	G	T	F	L	V	K	D	C	D	CD27
22	-	D	R	P	F	E	D	T	C	H	G	N	P	S	H	Y	D	K	A	V	R	R	C	C	I	Y	R	C	P	M	G	L	F	T	Q	Q	C	P	Q	CD30		
24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	I	N	S	Q	C	C	S	L	C	Q	P	G	Q	K	L	V	S	D	C	-	-	CD40				
21	-	T	R	S	L	Q	D	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	DN 4-1BB					
33	-	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	Y	P	S	N	D	R	-	C	H	E	C	R	P	G	N	G	M	V	S	R	C	S	R	OX40	
28	-	P	N	G	K	C	K	D	T	E	Y	K	R	H	N	-	-	-	-	-	-	-	-	L	C	C	L	S	C	P	P	G	T	Y	A	S	R	L	C	D	S	VC22
26	-	S	N	G	K	C	K	D	N	E	Y	K	R	H	H	-	-	-	-	-	-	-	-	L	C	C	L	S	C	P	P	G	T	Y	A	S	R	L	C	D	S	CRMB
27	-	V	R	G	V	A	E	T	P	T	Y	P	W	R	D	A	-	E	T	G	E	R	L	V	C	A	Q	C	P	P	G	T	F	V	Q	R	P	C	-	-	TNFR-6a	
27	-	V	R	G	V	A	E	T	P	T	Y	P	W	R	D	A	-	E	T	G	E	R	L	V	C	A	Q	C	P	P	G	T	F	V	Q	R	P	C	-	-	TNFR-6b	

FIG.3B

T04280" 2245E660

75	P - G Q D	T D C	R - E C	E S G S -	F I T A S E	N H L	R H	C L S C S K -	C R K E M	G	TNFR1
68	T K T S D	I V C	- D S C	- E D S T	Y T Q L	W N V	P E	C L S C G S R	C S S D Q V	TNFR2	
60	N Q - T	- V - C	- P C	L D S V T	F S D V	S A T E P	C K P C T -	E C V G L Q	S N G F R		
73	S R S Q D	T V C	- K T C	- P H N S	Y N E H	W N H L	S T	Q L C R P -	C D I V L	G	LT6R
76	H - G D E	P D C	- V - P C	Q E G K E	Y T D	K A H F S S K	C R R C	R L -	C D E G H G	FAS	
56	H R K A	- A Q C	D - P C	I P G V S F S P	- - - -	- - - -	- - - -	- - - -	- - - -	- - - -	CD27
61	R - - -	P T D C	R K Q C	- E P D Y Y L	D E A D R C	T A C V T C	S - - -	- - - -	R D D	CD30	
52	T E F T E	I E C -	L P C -	- G E S E F L	D T W N R E	T H C H Q H K Y -	C D P N L	G	CD40		
40	N R N Q -	- I C -	S P C -	- P P N S F S S A	- G G Q R T	C D I C R - Q	C - - -	K G	4-1BB		
59	S Q N T -	- V - C R -	P C -	- G P G F Y N	D V V S S K -	- P C K P C T - W	C - N L R S	OX40			
60	K T N T -	- Q C -	T P C -	- G S G T F T	G R N N H L	P A C L S C N G R C	N S N Q V	VC22			
58	K T N T	N T Q C	- T P C -	- A S D T F T	S R N N H L	P A C L S C N G R C	D S N Q V	CRMB			
63	R R D S	P T T C	- G P C	- P P R H Y T	Q F W N Y	L E R C R Y C	N V L	C G E R E	E	TNFR-6a	
63	R R D S	P T T C	- G P C	- P P R H Y T	Q F W N Y	L E R C R Y C	N V L	C G E R E	E	TNFR-6b	

FIG.3C

111	-	Q	V	E	I	S	S	C	T	V	D	R	D	T	I	V	C	G	C	R	K	N	Q	Y	R	H	Y	W	S	E	N	L	F	Q	C	F	N	C	S	L	-	TNFR1							
106	-	E	T	I	Q	A	-	-	C	T	R	E	Q	N	R	I	C	I	C	R	P	G	M	V	Y	C	A	L	S	K	Q	E	-	-	G	C	R	L	C	A	P	L	-	TNFR2					
95	M	S	A	P	-	-	-	C	V	E	A	D	A	V	C	R	C	A	Y	G	Y	-	Q	D	E	T	T	G	-	-	-	-	-	-	R	C	E	A	C	R	V	-	NGFR						
110	F	E	V	A	P	-	-	C	T	S	D	R	K	A	E	C	R	C	Q	P	G	M	S	C	V	Y	L	D	N	E	-	-	-	-	-	G	V	H	C	E	E	-	LTbR						
113	L	E	V	E	I	N	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	FAS						
74	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD27						
92	L	V	E	K	T	P	-	-	C	A	V	N	S	R	V	C	E	C	R	P	G	M	F	C	S	T	S	A	V	N	-	-	-	-	-	S	C	A	R	C	F	F	H	-	CD30				
89	L	R	V	Q	Q	K	-	-	G	T	S	E	T	D	T	T	C	T	C	E	E	G	M	H	C	T	-	-	S	E	A	-	-	-	-	-	C	E	S	C	V	L	H	-	CD40				
71	V	F	R	T	R	K	E	-	-	C	S	S	T	S	H	A	E	C	D	C	T	P	G	F	H	C	L	-	-	-	-	-	-	-	-	G	C	S	M	C	E	Q	D	-	4-1BB				
92	G	S	E	R	K	Q	L	-	-	C	T	A	T	Q	D	T	V	C	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OX40			
96	-	-	E	T	R	S	-	-	C	N	T	T	H	H	R	I	C	E	C	S	P	G	Y	Y	C	L	L	K	G	S	-	-	-	-	-	G	C	K	A	C	V	S	Q	-	VC22				
96	-	-	E	T	R	S	-	-	C	N	T	T	H	N	R	I	C	D	C	A	P	G	Y	Y	C	F	L	K	G	S	-	-	-	-	-	G	C	K	A	C	V	S	Q	-	CRMB				
101	-	-	E	A	R	A	-	-	C	H	A	T	H	N	R	A	C	R	C	R	T	G	F	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	F	C	L	E	H	-	TNFR-6a		
101	-	-	E	A	R	A	-	-	C	H	A	T	H	N	R	A	C	R	C	R	T	G	F	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	F	C	L	E	H	-	TNFR-6b

FIG.3D

149	-	-	-	C	L	N	G	T	V	H	L	-	-	S	C	Q	E	K	Q	N	T	V	C	T	-	C	H	A	G	F	F	L	R	E	-	-	N	TNFR1				
141	R	-	-	K	C	R	P	G	F	G	V	A	R	P	G	T	E	T	S	D	V	V	-	C	K	P	C	A	P	G	T	F	S	N	T	T	S	T	D	TNFR2		
128	-	-	-	C	E	A	G	S	G	L	V	-	F	S	C	Q	D	K	Q	N	T	V	-	C	E	E	C	P	D	G	T	Y	S	D	E	A	N	H	V	D	NGFR	
146	R	L	V	L	C	Q	P	G	T	E	A	E	V	T	D	E	I	M	T	D	V	N	C	-	C	V	P	C	K	P	G	H	F	Q	N	T	S	S	P	R	A	L1bR
137	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	E	FAS		
87	-	-	-	C	H	S	G	L	-	L	V	-	R	N	C	T	I	A	N	A	E	-	C	A	-	C	R	N	G	W	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD27	
129	S	V	-	C	P	A	G	M	I	V	K	F	P	G	T	A	K	N	T	V	-	C	E	P	A	S	P	G	V	-	S	P	A	C	A	S	P	E	CD30			
123	R	-	-	S	C	S	P	G	F	G	V	K	Q	I	A	I	G	V	S	D	T	-	C	E	P	C	P	V	G	E	F	S	N	V	S	S	A	F	E	CD40		
106	-	-	-	C	K	Q	G	Q	E	L	T	K	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB		
110	-	-	-	-	R	A	G	T	Q	P	L	-	D	S	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OX40		
131	T	-	-	K	C	G	I	G	Y	G	V	S	G	H	-	T	S	V	G	D	V	L	-	C	S	P	C	G	F	G	T	Y	S	H	T	V	S	S	A	D	VC22	
131	T	-	-	K	C	G	I	G	Y	G	V	S	G	H	-	T	P	T	G	D	V	V	-	C	S	P	C	G	L	G	T	Y	S	H	T	V	S	S	V	D	CRMB	
130	A	-	-	S	C	P	P	G	A	G	V	I	A	P	G	T	P	S	Q	N	T	Q	-	C	Q	P	C	P	P	G	T	F	S	A	S	S	S	E	-	TNFR-6a		
130	A	-	-	S	C	P	P	G	A	G	V	I	A	P	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b	

FIG.3E

178	E C V S C S N C K	- - - - -	- - - - -	K S L E C T K L C L P	- - - - -	TNFR1
179	I C R P H Q I C N V A	- - - - -	- - - - -	I P G N A S R D A V C T S T S P T R S M A P	- - - - -	TNFR2
163	P C L P C T V C E D T E R Q	- - - - -	L R E C T R W A D A E C	- - - - -	E E I P G R W I T R S N G F R	
186	R C Q P H T R C E I Q G L V E A	A P G T I S Y S D T I C K N P E P E L G A M L L	- - - - -	- - - - -	- - - - -	L T bR
142	H C D P C T I K C E	- - - - -	- - - - -	H G I - - - - -	I K E C T - - - - -	FAS
111	Q C R D - K E C T	- - - - -	- - - - -	- - - - -	E C - - - - -	C D 27
155	N C K E P S S G I	I P Q - A K P T P V S P A T S S A S T M P V R G T R L A Q E C D 30	- - - - -	- - - - -	G P Q D R L R - - - - -	C D 40
160	K C H I P W T S C E	T K D L V V Q Q A G T N K T D V V C C - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	A 4-1 B B
133	- C R P W T I N C S	L D G K S V L V N G T K E R D V V C G P S P - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	O X 40
140	A C K P W T I N C T	L A G K H T L Q P A S N S D I A T C - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	V C 22
167	K C E P V P N I	F N Y I D V E I T L Y P V N D T S C T R T T T - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	C R M B
167	K C E P V P S N I	F N Y I D V E I N L Y P V N D T S C T R T T T - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	
167	Q C Q P H I R N C T	A L G L A L N V P G S S S H D T L C T S - - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	TNFR-6a TNFR-6b

FIG. 3F

T04280" 22258660

```

198 - - - - - Q I E N V K G T E D S G T T V L L P L V I F F G - L - - - - - TNFR1
212 G A V H L P Q P V S T R S Q H T Q P T E P S T A P S T S F L L P M G P S P P A TNFR2
200 T P P E G S D S T A P S T Q E P E A P P E Q D L I A S T - - - - - V A G V V T T V NGR
224 L A I L L S - - - - - L T S N T K C K E E G S R S N L - - - - - G W L - - - - - L T b R
159 - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - F A S
130 - - - - - A R S S Q A L S P H P Q P T H L P Y V S E M L E A R - - - - - T A G H M Q T L C D 2 7
204 A A S K L T R A P D S P S V G R P S S D P G L S P T Q P - - - - - C P E G S G D C R C D 3 0
194 A L V V I P - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - C D 4 0
164 D L S P G A S S V T P P A P A R E P G H S P Q I I S - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 4 - 1 B B
169 - - - - - R D P P A T Q P Q E T Q G P P - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - O X 4 0
200 - - - - - G L S E S I L T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - S E L T I T M N H T D C N V C 2 2
200 - - - - - G L S E S I S T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - S E L T I T M N H K D C D C R M B

196 - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - C T G F - - - - - P L S T R V P G TNFR-6a
143 - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - TNFR-6b

```

FIG.3G

T04280.225660

235	-	-	-	-	R	Y	Q	R	W	-	K	S	K	L	Y	S	I	-	-	-	V	C	G	K	S	T	P	E	K	E	G	E	L	E	G	T	T	TNFR1	
280	N	C	V	-	I	M	T	Q	V	K	K	K	P	L	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR2			
269	-	-	-	-	-	Y	I	A	F	K	R	W	N	S	C	K	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	NGFR			
250	L	C	R	-	K	L	G	T	L	L	K	R	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L16R			
189	-	-	-	-	-	-	-	-	-	W	V	K	R	K	E	V	Q	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	FAS			
166	-	-	-	-	-	-	-	-	-	F	R	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD27			
282	E	C	R	P	G	M	I	C	A	T	S	A	T	N	S	C	A	R	C	V	P	I	C	A	A	E	T	V	T	K	P	Q	D	M	A	E	K	D	CD30
218	-	-	-	-	-	-	-	-	-	V	A	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD40		
193	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB		
195	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	W	P	-	-	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OX40		
246	-	-	-	-	-	Y	Q	N	I	S	K	-	-	-	V	C	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	VC22	
246	-	-	-	-	-	Y	Q	N	I	S	K	-	-	-	V	C	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CRMB	
217	D	F	V	-	-	A	F	Q	D	I	S	I	K	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6a	
143	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b		

FIG.3I

T04280-225E660

264	T	K	P	L	A	P	N	P	S	F	S	P	I	T	P	G	F	T	P	L	G	F	S	P	V	P	S	S	T	F	T	S	S	T	Y	T	P	G	D	TNFR1
294	-	-	-	-	-	L	Q	R	E	A	K	V	P	H	L	P	A	-	D	K	A	R	G	T	Q	G	P	E	Q	Q	H	L	L	I	T	A	-	-	TNFR2	
281	-	-	-	-	-	-	N	K	Q	G	A	N	S	R	P	V	-	N	Q	T	P	P	P	E	G	E	K	L	H	S	D	S	G	I	S	V	D	NGFR		
262	-	-	-	-	-	-	P	E	G	E	S	P	C	P	A	-	P	R	A	D	P	H	F	F	D	L	A	E	P	L	-	-	-	-	-	-	-	L16R		
212	-	-	-	-	-	S	P	T	L	N	P	E	-	-	T	V	A	I	N	L	S	D	V	D	L	S	K	Y	I	T	-	-	-	-	-	-	-	FAS		
169	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L P CD27				
322	T	T	F	E	A	P	L	G	T	Q	P	D	C	N	P	T	P	E	-	N	G	E	A	P	A	S	T	S	P	T	Q	S	L	L	V	D	S	Q	A	CD30
222	-	-	-	-	-	-	P	T	N	K	A	P	H	P	K	Q	E	-	P	Q	-	E	I	N	F	P	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD40	
193	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB			
198	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	S	Q	G	P	S	T	R	P	V	-	E	-	-	V	P	G	G	R	A	V	A	I	L	G	L	G	L	-	OX40	
255	-	-	-	-	-	-	L	N	F	E	I	K	C	N	N	-	-	-	-	K	G	S	-	S	F	K	Q	-	-	L	T	K	-	-	-	-	-	-	VC22	
255	-	-	-	-	-	-	L	N	F	E	I	K	C	N	N	-	-	-	-	K	D	S	Y	S	S	K	Q	-	-	L	T	K	-	-	-	-	-	-	CRMB	
229	-	-	-	-	-	-	L	Q	R	L	Q	A	L	E	A	P	E	-	G	W	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6a	
143	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	E	-	S	W	A	R	G	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b	

FIG.3J

329	-	-	-	L	A	S	D	P	I	P	N	P	L	Q	K	W	E	D	S	A	H	K	P	Q	S	L	D	T	D	D	P	A	T	L	Y	A	V	V	E	TNFR1
339	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR2			
347	V	E	K	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	NGS			
303	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	LT6R				
240	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	FAS				
207	G	A	L	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD27			
401	S	S	A	F	L	L	C	H	R	R	A	C	R	K	R	I	Q	K	L	H	L	C	Y	P	V	Q	T	S	Q	P	K	L	E	L	V	D	S	R	P	CD30
252	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD40			
216	G	R	K	K	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB			
245	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OX40			
281	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	VC22			
284	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CRMB			
258	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6a			
155	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b			

FIG.3L

T04280.2245660

365	N	V	P	P	L	R	W	K	E	F	V	R	R	L	G	L	S	D	H	E	I	D	R	L	E	L	Q	N	G	R	C	L	R	E	A	Q	Y	S	M	L	TNFR1		
372	P	G	G	H	G	T	Q	V	N	V	T	C	I	V	N	V	C	S	S	D	H	-	S	S	Q	C	S	Q	A	S	S	T	M	G	D	T	-	-	TNFR2				
355	A	G	D	T	W	R	H	L	A	G	E	L	G	Y	Q	P	E	H	I	D	S	F	T	H	E	A	C	P	V	R	-	-	-	-	-	-	A	L	NGFR				
327	P	G	E	H	G	Q	V	A	H	G	A	N	G	I	H	V	T	G	S	V	I	V	T	G	N	I	Y	I	Y	N	G	P	V	L	G	G	T	-	-	LTbR			
246	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	G	F	V	R	K	N	G	V	N	E	A	K	I	D	E	I	K	N	D	N	V	Q	D	T	A	E	Q	K	V	Q	L	L	FAS
214	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	R	K	Y	R	S	N	K	G	E	S	P	V	E	P	A	E	P	C	R	Y	S	C	P	R	-	-	-	-	-	-	CD27		
441	R	R	S	T	Q	L	R	S	G	A	S	V	T	E	P	V	A	E	E	R	G	L	M	S	Q	P	L	M	E	T	C	H	S	V	G	A	A	Y	L	CD30			
256	-	-	-	-	-	-	-	-	-	H	C	Q	P	V	I	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CD40				
222	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4-1BB					
245	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	L	P	P	D	-	A	H	K	P	G	G	S	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OX40		
308	A	Q	D	Y	E	T	D	T	I	S	Y	R	V	G	N	V	L	D	D	S	H	M	P	G	S	C	N	I	H	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	VC22	
311	T	Q	D	Y	E	T	D	T	I	S	Y	H	V	G	N	V	L	D	V	D	S	H	M	P	G	R	C	D	T	H	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CRMB	
282	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6a			
155	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	TNFR-6b		

FIG.3M

[illegible]

FIG. 3N

[illegible]

FIG. 3P

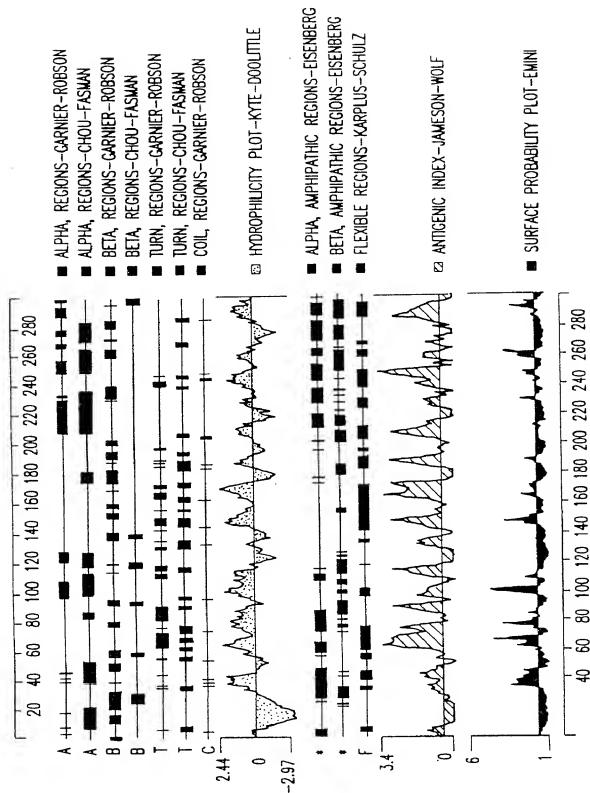


FIG.4

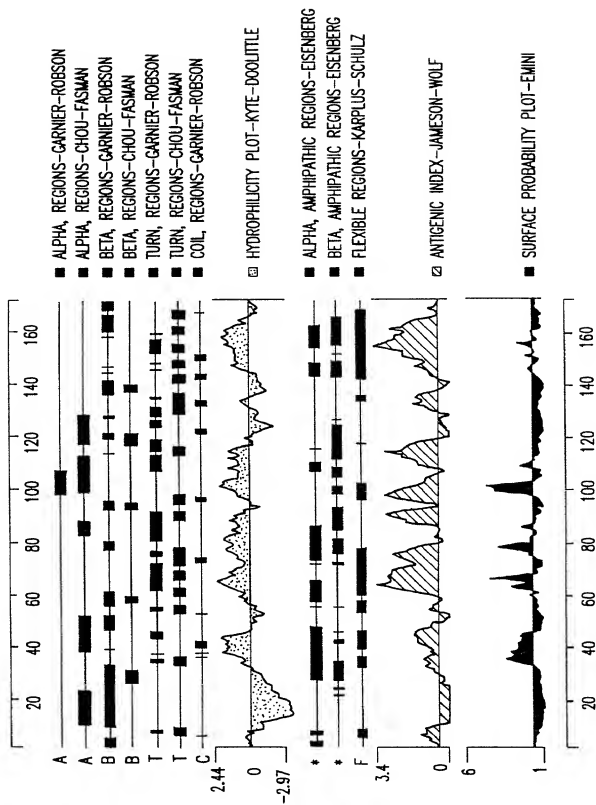


FIG.5

22/23

HELDI06R

GGCACGAGCA GGGTCCTGTN TCCGCCCTGA GCCGCGCTCT NCCTGCTCCA GCAAGGACCA
TGAGGGCGCT GGAGGGGCCA GGCCTGTGCG TGCTGTGCTT GGTGTTGGCG CTGCCTGCCC
TGCTGCCGGT GCCGGCTGTA CGCGGAGTGG CAGAAACACN NACNTACCCC TGGCGGGACG
NAGAGACAGG GGAGCGGCTG GTGTNTNCCC ANTGCCCCC AGGCACCTTT NTGCAGCGGC
CGTGCCGNCG AGACAGCCCC ACGACGTGTG GCCCGTNTCC ACCGCGCCAC TACACGCATT
CTGGAACACT CTGGAGCGCT GNCGTTACTN CAACGTCTCT TGCGGGGAGC GTNAGGAGGA
GGCACGGGTT TNCCACGNCA ACCACAACCG NGGNTTACCG TNGCCGNACC GGTTTCTTCG
NGGCAAGTTG GTTTTTNNTT TGGAGNAAGG ATTCGTGTTN CAATTNATTG ACGNAGTGAT
TNNNCNCGG AACTNAAA

HCEOW38R

CGCAACTGCA CGGCCCTGGG ACTGGCCCTC AATGTGCCAG GNTCTTCCTC CCATGACACC
CTGTGCACCA GCTGCACTGG CTTCCCCCTC AGCACCAGGG TACCANGAGC TGAGGAGTGT
GAGCNTGCCG TCATCGACTT TTTGGCTTTC CAGGACATCT CCATCAAGAG GCTGCAGCGG
CTGCTCANGC C

FIG.6

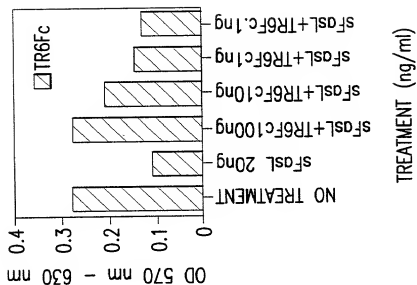


FIG. 7B

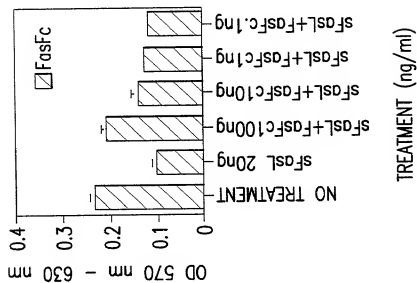


FIG. 7A